



PCT

世界知的所有権機関
国際事務局
特許協力条約に基づいて公開された国際出願

(51) 国際特許分類7 C12N 15/63, 5/10, C12Q 1/68, C07K 14/00	A1	(11) 国際公開番号 WO00/43528 (43) 国際公開日 2000年7月27日(27.07.00)
(21) 国際出願番号 PCT/JP00/00350		
(22) 国際出願日 2000年1月25日(25.01.00)		
(30) 優先権データ 特願平11/15667 1999年1月25日(25.01.99)	JP	(81) 指定国 AE, AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BY, CA, CH, CN, CR, CU, CZ, DE, DK, DM, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, NO, NZ, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VN, YU, ZA, ZW, 欧州特許 (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE), OAPI特許 (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG), ARIPO特許 (GH, GM, KE, LS, MW, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZW), ユーラシア特許 (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM)
(71) 出願人 ; および (72) 発明者 宮田敏男(MIYATA, Toshio)[JP/JP] 〒259-1117 神奈川県伊勢原市東成瀬4-2-3-101 Kanagawa, (JP)		添付公開書類 国際調査報告書
(71) 出願人 (米国を除くすべての指定国について) 黒川 清(KUROKAWA, Kiyoshi)[JP/JP] 〒162-0061 東京都新宿区市谷柳町49市ヶ谷ヒルズ401 Tokyo, (JP)		
(74) 代理人 清水初志, 外(SHIMIZU, Hatsushi et al.) 〒300-0847 茨城県土浦市御町1-1-1 関鉄つくばビル6階 Ibaraki, (JP)		

(54)Title: MEGSIN PROMOTER

(54)発明の名称 メグシンプロモーター

(57) Abstract

A genomic DNA region containing a part of about 1.5 kb upstream of MEGSIN is isolated and the base sequence thereof is determined. Two regulatory sequences positively regulating transcription in this genomic DNA region are identified. A promoter region located in the 3'-side, between the above two regulatory sequences, is subjected to base substitution by the site-directed mutagenesis method and thus the base sequence playing an important role in the promoter activity is successfully specified.

(57)要約

MEGSIN遺伝子の上流約 1.5kbを含むゲノムDNA領域を単離し、その塩基配列を決定した。また、該ゲノムDNA領域において、転写を正に制御する2つの制御配列を同定した。さらに、これら2つの制御配列のうち3'側に位置するプロモーター領域について、部位特異的変異導入法により塩基置換を行い、そのプロモーター活性に重要な役割を担う塩基配列を特定することに成功した。

PCTに基づいて公開される国際出願のパンフレット第一頁に掲載されたPCT加盟国を同定するために使用されるコード(参考情報)

A E	アラブ首長国連邦	DM	ドミニカ	K Z	カザフスタン	RU	ロシア
AG	アンティグア・バーブーダ	D Z	アルジェリア	L C	セントルシア	SD	スードン
AL	アルバニア	E E	エストニア	L I	リヒテンシュタイン	SE	スウェーデン
AM	アルメニア	E S	スペイン	L K	スリ・ランカ	SG	シンガポール
AT	オーストリア	F I	フィンランド	L R	リベリア	SI	スロヴェニア
AU	オーストラリア	F R	フランス	L S	レソト	SK	スロヴァキア
AZ	アゼルバイジャン	G A	ガボン	L T	リトアニア	SL	シエラ・レオネ
BA	ボスニア・ヘルツェゴビナ	G B	英国	L U	ルクセンブルグ	SN	セネガル
BB	バルバドス	G D	グレナダ	L V	ラトヴィア	SZ	スウェーデン
BE	ベルギー	G E	グルジア	MA	モロッコ	TD	チャード
B F	ブルギナ・ファソ	G H	ガーナ	MC	モナコ	TG	トーゴ
B G	ブルガリア	G M	ガンビア	MD	モルドヴァ	T J	タジキスタン
B J	ベナン	G N	ギニア	MG	マダガスカル	TM	トルクメニスタン
B R	ブラジル	G R	ギリシャ	MK	マケドニア旧ユーゴスラヴィア	TR	トルコ
B Y	ベラルーシ	G W	ギニア・ビサオ	共和国		TT	トリニダッド・トバゴ
CA	カナダ	H R	クロアチア	ML	マリ	TZ	タンザニア
C F	中央アフリカ	H U	ハンガリー	M N	モンゴル	UA	ウクライナ
CG	コンゴ	I D	インドネシア	MR	モーリタニア	UG	ウガンダ
CH	スイス	I E	アイルランド	M W	マラウイ	U S	米国
C I	コートジボアール	I L	イスラエル	M X	メキシコ	U Z	ウズベキスタン
CM	カムルーン	I N	インド	M Z	モザンビーク	V N	ベトナム
C N	中国	I S	アイスランド	N E	ニジエール	Y U	ユーゴースラヴィア
CR	コスタ・リカ	I T	イタリア	N L	オランダ	Z A	南アフリカ共和国
C U	キューバ	J P	日本	N O	ノールウェー	Z W	ジンバブエ
C Y	キプロス	K E	ケニア	N Z	ニューカaledonia		
C Z	チエツコ	K G	キルギスタン	P L	ポーランド		
D E	ドイツ	K P	北朝鮮	P T	ポルトガル		
DK	デンマーク	K R	韓国	R O	ルーマニア		

明細書

メグシンプロモーター

技術分野

本発明は、腎細胞で発現する遺伝子のプロモーターに関する。本発明のプロモーターは、遺伝子治療などの分野に応用が可能である。

背景技術

体内の60兆個もの様々な細胞が、本質的に同一のゲノムDNAを有している。正常な生理学的機能のために、これらの遺伝子の発現は、細胞系統、および細胞が受容するシグナルにより厳密に制御されている。従って、個々の細胞型で特異的に発現している遺伝子を解明することは極めて重要である。

メサンギウム (mesangium) は、腎糸球体の毛細管係蹄の小葉中心部に位置し、各小葉を結びつける芯となる組織である。メサンギウムは糸球体基底膜に覆われており、毛細管腔とは内皮細胞によって隔てられている細胞(メサンギウム細胞: mesangial cell)と3層からなる糸球体基底膜の中の内透明層と連続している無形物質 (メサンギウム基質: mesangial matrix) から構成されている。

メサンギウム細胞は、腎糸球体の構造および機能の維持に中心的な役割を果たしていることが知られており、また、糸球体腎炎や糸球体硬化症などの糸球体疾患の発症における主要な要因であると考えられている。そして、メサンギウム細胞は、各種腎炎において障害の標的となっている。例えば、メサンギウム細胞の増殖や細胞外メサンギウム基質の蓄積は、末期腎不全の2大原因である慢性糸球体腎炎および糖尿病性腎症のような種々の糸球体障害を有する患者に糸球体硬化症をもたらす最初の過程とされている [D. Schlondorff, Kidney Int., 49, 1583-1585 (1996); R.B. Sterzel et al., Glomerular mesangial cells. Immunologic

Renal Diseases, pp595-626(1997)]。従って、メサンギウム細胞で特異的に発現している遺伝子を見いだし、その発現の調節機構を明らかにすることは、メサンギウム細胞の生物学的性質の解明、メサンギウム細胞に関連する疾患の原因の究明、ひいては、メサンギウム細胞に関連する疾病的治療、診断等に有効である。

ところで、本発明者は、大規模DNA配列決定およびデータベース解析により、メサンギウム細胞で特に強く発現する遺伝子として、MEGSINと命名した遺伝子を単離し、その全塩基配列を決定した。そして、MEGSINの全長cDNAクローンがコードする380個のアミノ酸からなる新規タンパク質（ヒトMEGSIN）の配列を決定した。さらに、Swiss Protデータベースを用いてFASTAプログラムによるアミノ酸ホモロジー検索を行ったところ、ヒトMEGSINが、SERPIN（セリンプロテアーゼインヒビター）スーパーファミリー [R.Carrell et al., Trends Biochem.Sci., 10, 20 (1985); R.Carrell et al., Cold Spring Harbor Symp. Quant. Biol., 52, 527 (1987); E.K.O.Kruithof et al., Blood, 86, 4007 (1995); J.Potempa et al., J.Biol.Chem., 269, 15957 (1994); E.Remold-O'Donnell, FEBS Lett., 315, 1 05(1993)] に属するタンパク質であることを見出した [T.Miyata et al., J.Clin.Invest., 120, 828-836 (1998)]。

ヒトMEGSINは、ヒト纖維芽細胞、平滑筋細胞、内皮細胞、ケラチノサイトでは発現が弱く、メサンギウム細胞で特に強く発現している（即ち、ヒトMEGSIN遺伝子の発現はメサンギウム細胞に特異性を有する）。また、IgA腎症患者や糖尿病性腎症患者と健常人との腎臓組織中のMEGSINの発現量を比較すると、IgA腎症患者や糖尿病性腎症患者においてMEGSINが有意に発現量が多い[D.Suzuki et al., J. Am. Soc. Nephrol. 10, 2606-2613(1999)]。また、ラットを用いたメサンギウム増殖性糸球体腎炎モデルにおいて、発現量の上昇が認められた。

このように、MEGSIN遺伝子の発現は、腎疾患に深く関与している可能性があることから、MEGSIN遺伝子の発現制御機構の実態を明らかにし、ヒトMEGSINの生体内における機能の解明やその変異によって引き起こされる遺伝性疾患などへの診

断、治療に有用なプロモーターの提供、あるいは腎メサンギウム細胞に特異的に発現するプロモーターを提供することが望まれていた。

一方、ヒトMEGSINが属するSERPINスーパーファミリーは、一次構造上相互に高い相同性を有することから、進化上共通の祖先タンパク質から分岐したと考えられている。すなわち、アミノ酸配列上の変異アミノ酸数 [K.Suzuki et al., Tanpakushitsu Kakusan Koso, 34, 949-962 (1989)] や染色体遺伝子構造に基づいて作製された進化系統樹 [J.J.Bao et al., Biochem., 26, 7755 (1987)] の解析の結果、SERPINスーパーファミリーは、種々の高等脊椎動物とともに500万年以上にわたって進化してきたことが示されている。しかしながら、MEGSIN遺伝子は、糸球体メサンギウム細胞に特異的に発現するという点で極めて特徴的である。

また最近、イオンチャンネルや輸送に係わる遺伝子が、腎臓に特異的に発現することが報告されている [S.J.Lolait et al., Nature, 357, 336-339 (1992); Y.Kanai et al., J.Clin.Invest., 93, 397-404 (1994); S.Uchida et al., J.Biol.Chem., 268, 3821-3824 (1993); S.Adachi et al., J.Biol.Chem., 269, 17677-17683 (1994); K.Fushimi et al., Nature, 361, 549-552 (1993); G.Gamba et al., J.Biol.Chem., 269, 17713-17722 (1994)]。

しかしながら、これらの遺伝子は、尿細管上皮細胞に局在しており、糸球体メサンギウム細胞では発現していない。従って、MEGSIN遺伝子のプロモーターおよび転写因子を解明することにより、細胞型依存的な遺伝子発現機構に関する重要な情報を得ることができる。さらにこのようにして得られた情報は、分子遺伝学や遺伝子導入における標的細胞にも応用することができる。

発明の開示

本発明は、MEGSIN遺伝子のプロモーターおよびその利用を提供することを課題とする。

本発明者らはMEGSIN遺伝子の発現調節機構を解明するために、MEGSIN遺伝子よ

り上流（5'側）約1.5kbを含むゲノムDNAの塩基配列を決定した。S1ヌクレアーゼプロテクションアッセイの結果、MEGSIN mRNAの転写開始点は4種類存在していることが判明した。転写開始点の上流には、AP1結合部位、cMyb結合部位、およびOct-1を含む転写制御部位となり得る保存された転写制御配列が存在することが判明した。これらの転写制御配列を含む領域をさまざまに欠失させたDNAの3'側にルシフェラーゼ遺伝子を連結したベクターを作製し、細胞にトランスフェクトしてルシフェラーゼ活性による転写制御領域の決定を行ったところ、転写を正に制御する2つの制御配列を同定した。それらのうち3'側に位置するプロモーター領域について、部位特異的変異導入法により塩基置換を行い、その転写制御活性につき詳細な解析を行った。その結果、本発明者らは、転写制御に重要な役割を担うDNAの塩基配列を特定することに成功した。

従って、本発明は、MEGSIN遺伝子のプロモーターおよびその利用に関し、より具体的には、

- (1) 配列番号：1に記載の塩基配列またはその一部を含み、プロモーター活性を有するDNA、
- (2) (1)に記載のDNAを含むベクター、
- (3) (1)に記載のDNAの下流に異種遺伝子が発現可能な状態で結合している、(2)に記載のベクター、
- (4) (3)に記載のベクターが導入された細胞、
- (5) 配列番号：1に記載の塩基配列からなるDNAまたはその一部に結合するタンパク質のスクリーニング方法であって、
 - (a) 被検試料を配列番号：1に記載の塩基配列からなるDNAまたはその一部に接触させる工程、および
 - (b) 配列番号：1に記載の塩基配列からなるDNAまたはその一部に結合する活性を有するタンパク質を選択する工程、を含む方法、
- (6) (5)に記載の方法によって単離されるタンパク質、

(7) 転写因子である、(6)に記載のタンパク質、
に関する。

なお、本明細書において、「プロモーター」とは転写開始部位の近傍に存在し、
遺伝子の発現を制御するDNA領域を指す。また、「プロモーター活性」とは、その
下流に存在する遺伝子の発現を制御するプロモーターの活性を指す。

本発明は、MEGSIN遺伝子のプロモーターを提供する。実施例3に示すように、
MEGSIN遺伝子の5'上流域において、-128位より下流の塩基の欠失や置換の多くがそ
のプロモーター活性の著しい低下を示した。従って、本発明のプロモーターは、-
128位より下流のMEGSIN遺伝子の5'上流域（配列番号：1）の少なくとも一部を含
む。

本発明のプロモーターとしては、-128位より下流の領域（配列番号：1）の少
なくとも一部を含み、かつ、プロモーター活性を有する限り、配列番号：1に示
す塩基配列において塩基が置換された配列を有していてもよい。しかしながら、
図7に示すように、-128位より下流の領域における、m1変異（-128位および-127
位の塩基の置換）、m2変異（-120位、-118位、および-117位の塩基の置換）、m3
変異（-116位および-115位の塩基の置換）、m4変異（-113位および-112位の塩基
の置換）、m5変異（-106位および-105位の塩基の置換）、m6変異（-100位および-
98位の塩基の置換）、およびm7変異（-94位および-93位の塩基の置換）はそのプロ
モーター活性の低下を招いた。

従って、本発明のプロモーターとしては、高いプロモーター活性を必要とする
場合、これらの塩基が置換されていることは好ましくない。

本発明のプロモーターは、例えば、ゲノムDNAライブラリーのスクリーニングに
よって単離することができる。即ち、既に判明しているMEGSIN cDNAまたはその一
部をプローブとしてヒトや他の動物のゲノムDNAライブラリーをハイブリダイゼ
ーションスクリーニングすることにより、また、MEGSIN cDNA配列またはMEGSIN
ゲノムDNA配列の情報を基に作成したプライマーを利用してヒトや他の動物のゲ

ノムDNAライブラリーを鋳型にポリメラーゼ連鎖反応(PCR)を行うことにより単離することができる。

また、本発明のプロモーターは、例えばホスホアミダイト法 [Mattencci, M.D. & Caruthers, M. H. J. Am. Chem. Soc. 103, 3185(1981)]、ホスファイト・トリエステル法 [Hunkapiller, M. et al., Nature 310, 105 (1984)] 等の核酸の化学合成を用いる常法に従って製造することもできる。

DNA断片中に存在するMEGSIN遺伝子のプロモーター領域およびエンハンサー領域(イントロンまたは3'非翻訳領域に存在する遺伝子の発現を増強するDNA領域を含む)は、例えば、特開平6-181767号公報や文献 (The Journal of Immunology (1995) 155, 2477-2486, Proc. Natl. Acad. Sci. USA (1995) 92, 3561-3565) と同様の方法で取得することが可能である。

一般的には、発光反応や呈色反応などにより定量が容易に行えるタンパク質をコードする遺伝子(レポーター遺伝子)をプロモーター候補領域の下流に発現可能な状態で結合し、これを宿主細胞に導入して呈色反応や発光を検出することにより、プロモーター活性の有無やプロモーター活性の強弱を判定することができる。

具体的には、プロモーター領域は、これに制限されないが、以下の方法によつて取得することができる。

1) 上記のようにゲノムDNAまたはゲノムライブラリーより転写制御領域を含むDNAをクローニングする。

2) 制限酵素消化してMEGSIN遺伝子の翻訳開始コドンを含むその上流部分のプロモーター領域を含むDNA(2~5 kbp)を得て、塩基配列を決定する。メサンギウム細胞等から調製したpoly(A)⁺ RNAを鋳型とし、MEGSIN遺伝子の5'末端側cDNA配列より選択したプライマーDNAを用いたプライマー伸長法により、転写開始点(+1)を決定する。塩基配列から転写因子結合配列を検索し、プロモーター活性を有する可能性がある箇所を予想する。

3) 2) で得たDNAからMEGSIN遺伝子のコード領域を除いたDNA断片をプラスミド上にサブクローニングし、この 2~5 kbp DNA断片の下流に、レポーター遺伝子(例えば、クロラムフェニコールアセチル転位酵素 (CAT) 遺伝子、あるいはルシフェラーゼ遺伝子など)を連結したレポータープラスミドを構築する。同様に、プロモーター領域の可能性がある各箇所を含むような形で、制限酵素消化により、あるいはPCR等により、5'末端側及び3'末端側を順次削ったMEGSIN遺伝子上流部分の様々な部位に該当するDNA断片を作成し、これらの下流に、レポーター遺伝子を連結したレポータープラスミドを構築する。また、部位特異的変異導入法により適宜、1つまたは複数の塩基の置換、欠失、付加および／または挿入を行い変異を導入したDNA断片を作成し、これらの下流にレポーター遺伝子を連結したレポータープラスミドを構築する。

4) 3) で作製したレポータープラスミドで形質転換した動物細胞のレポーター活性(例えば、CAT活性あるいはルシフェラーゼ活性等)を測定することにより、MEGSIN遺伝子上流部分に存在するプロモーター領域を同定する。

また、3' 非コード領域やイントロン中におけるエンハンサー領域は、例えば、MEGSIN cDNA等をプローブとしたゲノムライブラリーのスクリーニングにより、まずMEGSINのゲノム遺伝子をクローニングし、次いで、上述のプロモーターに関する方法と同様の実験を行うことにより同定することができる。

本発明のプロモーターは、その下流に結合した遺伝子を腎臓(メサンギウム細胞)で高率に発現させる活性を有する。このため本発明のプロモーターは、例えば、腎臓で所望の遺伝子の発現を任意に制御できるベクターの開発に利用できる。また、本発明のプロモーターを活性化する転写因子を有する他の細胞(臓器)においても同様の効果が期待できる。このような腎臓特異的に活性化するプロモーターは、例えば、腎臓疾患の遺伝子治療のためのベクター作製に用いることができる。

本発明のプロモーターを腎臓特異的な遺伝子の発現に利用する場合には、本発

明のプロモーターの下流に腎臓において発現させたい所望の遺伝子を発現可能な状態で結合し、これを標的細胞に導入する。ここで「発現可能な状態で結合する」とは、遺伝子の転写が可能となるように、本発明のプロモーターと該遺伝子とが結合していることを指す。

標的細胞に導入する場合、本発明のプロモーターおよび該プロモーターにより制御される遺伝子は、適当なベクターに導入されていてもよい。また、本発明のプロモーターは、単独で用いても、エンハンサー、サイレンサー等の転写制御配列を組み合わせて用いてもよい。

遺伝子治療を目的とする場合、用いられるベクターとしては、例えば、レトロウイルス、単純性ヘルペスウイルス、サイトメガロウイルス、エプスタイン-バーウィルス、ウシパピローマウイルス、アデノウイルス、アデノ随伴ウイルス、シンドビスウイルス、ポックスウイルスなどに由来するベクターが挙げられる。また、温度感受性リポソーム、血中安定性リポソーム、カチオニックリポソーム、pH感受性リポソームおよびウイルスのエンベロープタンパク質を組み込んだ再構成リポソームなどのリポソーム製剤、HVJ（センダイウイルス）-リポソーム [T. Nakagawa et al., Drug Delivery System, 11, 411 (1996)]、VSV（水疱性口内炎ウイルス）-リポソーム（特願平9-357506号）などのウイルスの膜融合能を付与した膜融合リポソーム製剤などを用いることもできる。

これらのベクターを導入する対象となる細胞としては、例えば、メサンギウム細胞、尿細管細胞、マクロファージ、リンパ球、内皮細胞、腫瘍細胞などが挙げられる。

なお、上述した他、本発明のプロモーター、該プロモーターを含有する組換えベクター、該ベクターの細胞への導入などの一般的な遺伝子操作は、例えば、「Molecular Cloning-A Laboratory Manual」(Cold Spring Harbor Laboratory, N. Y.) に記載の常法に従って行うことができる。

また、本発明のプロモーターの変異は、重篤な遺伝疾患を引き起こすと考えら

れることから、該プロモーターは、遺伝子診断への応用も期待できる。この遺伝子診断は、例えば単鎖高次構造多型分析、DNAフィンガープリント法、PCR法を用いたダイレクトシークエンス、遺伝子特異的オリゴヌクレオチドプローブを用いた変異解析法などの手法を用いて遺伝子の変異を検出することにより達成される。

また一方、ヒトMEGSINはSERPINスーパーファミリーに属するタンパク質であることから、ヒトMEGSINの異常症は、血液凝固能の亢進による血栓塞栓症または線溶能の亢進による出血症をきたすおそれもある（鈴木ら、蛋白質・核酸・酵素、34巻、949-962（1989））。このことは、本発明のプロモーターの転写活性に影響を与える薬剤がこれら疾患の発症や抑制に作用する可能性があることを示唆する。従って、本発明のプロモーターは、これら疾患に関連する薬剤のスクリーニングに利用できる可能性が考えられる。

また、MEGSIN発現量がIgA腎症患者や糖尿病性腎症患者において亢進していることから、腎疾患の発症に関与していると考えられる。よって本発明のプロモーターの活性を制御する薬剤を該患者に投与することにより、IgA腎症や糖尿病性腎症の発症や進展を抑制することも可能であると考えられる。

また、本発明は、本発明のプロモーターに結合するタンパク質のスクリーニング方法に関する。本発明のプロモーターに結合するタンパク質としては、例えば、転写因子を挙げることができる。「転写因子」とは、本発明のプロモーターに結合して、該プロモーターの下流の遺伝子の発現を正または負に調節するタンパク質を指す。

本発明のスクリーニング方法は、（a）被検試料を配列番号：1に記載の塩基配列からなるDNAまたはその一部に接触させる工程、および（b）配列番号：1に記載の塩基配列からなるDNAまたはその一部と結合するタンパク質を選択する工程、を含む。

本発明のスクリーニングは、当業者に公知の方法（「新細胞工学実験プロトコール（秀潤社）」、「バイオマニュアルシリーズ5 転写因子研究法（羊土社）」、

「DNA & Cell Biology, 13, 731-742 (1994)」参照)、例えば、アフィニティーカラムを用いた方法、サウスウェスタン法、フットプリント法、ゲルシフト法、one-hybrid法などをにより行うことができる。

アフィニティーカラム法を用いる場合は、前述の方法で得た、本発明のプロモーターをセファロース或いはラテックスビーズに固定化したカラムに、核抽出液をかけ、カラムを洗浄後、カラムに固定化した配列と同様の配列を有するDNAを用い、結合した転写因子を溶出する。

また、サウスウェスタン法を用いる場合は、例えば本発明のプロモーターに結合する転写因子が発現していると予想される細胞(例えばメサンギウム細胞など)由来のmRNAからcDNAを調製する。その後、大腸菌の発現ベクター、例えば λ gt11に該cDNAを組み込んだcDNAライブラリーを作製し、 β -ガラクトシダーゼとの融合蛋白質を合成させ、ニトロセルロース膜に該融合蛋白質を吸着させて、放射性同位元素で標識された本発明のプロモーターをプローブにし、結合活性をもつ融合蛋白質を合成するファージを選択する。

フットプリント法を用いる場合は、放射性同位元素で標識したプロモーターをプローブとし、これを細胞核抽出液と反応後、DNase Iで消化し、電気泳動することによってタンパク質結合DNA配列を決定することができる。

ゲルシフト法を用いる場合は、まずプロモーター領域内の任意の配列からプローブを作製し、放射性同位元素で標識する。次に、この標識プローブと細胞核抽出液を反応させ、電気泳動を行い、プローブに結合する核タンパク質の有無を確認することができる。

one-hybrid法を用いる場合は、例えば、まず、MEGSINプロモーター配列を少なくとも3コピー、タンデムに並べた配列をレポーター遺伝子の上流に挿入し、酵母ゲノム内に組込むことにより、レポーター株を作成する。次に、上記のcDNAとGAL4(酵母のDNA結合性転写活性化因子)の活性化ドメイン(GAL4 AD)のコード領域とを連結させ、これらの融合タンパク質をコードするような活性化ドメイン(A

D)ライブラリーを作製し、これを前述のレポーター株に導入する。ADとDNA結合タンパク質とのハイブリッドタンパク質がMEGSINプロモーター配列へ結合することにより、転写が活性化されて、その効果を、レポーター遺伝子の発現を通じて検出することができる。

図面の簡単な説明

図1は、ヒトMEGSIN遺伝子とPAI-2遺伝子の、エキソン-イントロン境界領域の比較を示す図である。大文字はエキソン、小文字はイントロンを表す。

図2は、ヒトMEGSIN遺伝子の第1エキソン(5'-UTR)およびその上流1431bpの配列を示す図である。5'-RACEにより得られたクローンの5'端を「*」で示した。

図3は、ヒトMEGSIN遺伝子の転写開始部位を決定するためのS1ヌクレアーゼアッセイの結果を表す写真である。

図4は、ルシフェラーゼアッセイに用いられたベクターの構造を示した図である。

プロモーター：なし、エンハンサー：なし、SV40後期ポリ(A)シグナル：1772-1993、ルシフェラーゼ遺伝子(luc+)：88-1737、上流のポリ(A)シグナル：4658-4811、マルチブルクローニング部位：1-58、 β -ラクタマーゼ遺伝子(Amp^r)：3940-3083、f1複製開始点：4073-4527、ColE1-由来のプラスミド複製開始点：2313

図5は、種々の細胞を用いて、ヒトMEGSIN遺伝子転写制御領域によるルシフェラーゼアッセイを行った結果を表す図である。 β -ガラクトシダーゼ活性で標準化したプロモーターの相対活性を示す。

図6は、欠失させたヒトMEGSIN遺伝子転写制御領域によるルシフェラーゼアッセイの結果を表す図である。 β -ガラクトシダーゼ活性で標準化したプロモーターの相対活性(欠失させていない場合を100とした値)を示す。(A)はヒト類表皮癌細胞株A431における結果を、(B)はヒトメサンギウム細胞における結果を示す。

図7は、部位特異的変異を導入したヒトMEGSIN遺伝子転写制御領域によるルシ

フェラーゼアッセイの結果を表す図である。下段は導入した変異を、上段は β -ガラクトシダーゼ活性で標準化したプロモーターの相対活性(欠失させていない場合を100とした値)を示す。また、下段にOct-1、c-Myb、およびAP-1の結合部位も示した。

図8は、ヒトMEGSIN遺伝子転写制御領域（-129～-89）を用いたゲルシフトアッセイの結果を示す図である。上段に用いたプローブDNA配列、下段にその結果を示す。

図9は、種々のヒトプライマリー細胞抽出物を用いた、ヒトMEGSIN遺伝子転写制御領域（-129～-89）のDNAのゲルシフトアッセイの結果を示す写真である。図8に示したプローブAおよびプローブBを用いた。

発明を実施するための最良の形態

以下、実施例により本発明を具体的に説明するが、本発明はこれらの実施例によって制限されるものではない。

[実施例1] ヒトメサンギウム細胞の初代培養

ヒトメサンギウム細胞（Clontech社）は、10%ウシ胎児血清（GIBCO社）、100 IU/mLのペニシリン、100 μg/mLのストレプトマイシンおよび200 μg/mLのL-グルタミンを含有するダルベッコ改変イーグル培地（DMEM）で培養した。

[実施例2] ヒトMEGSIN遺伝子の転写制御領域の単離

ヒトMEGSIN遺伝子の上流領域は、Genome Walker Kits（Clontech社）を用いて単離した。即ち、Genome Walker Kitsのヒトゲノムライブラリーを鋳型として、MEGSINのcDNA配列〔Miyata, T. et al., J. Clin. Invest., 120, 828-836 (1998)〕からデザインされたMEGSIN特異的プライマー（5'-CGTCGACGGACACGTCTCACGTCCGAC G-3'／配列番号：4）およびキットに添付されているアダプタープライマーとPCRバッファーを用いたネスティドポリメラーゼ連鎖反応（nested Polymerase Chain Reaction）により、ヒトMEGSIN遺伝子の上流領域を増幅した。また、同様にしてエキソン-イントロン境界領域のゲノムDNAも単離した。

さらに、TFSEARCHプログラム（Yutaka Akiyama：京都大学）を用いたTFMATRIX転写因子結合部位データベース（E. Wingender、R. Knueppel、P. DietzeおよびH. K aras：GBF-Braunschweig）の解析により、高度に保存されている転写因子結合部

位配列を検索した。

ゲノムDNA配列の解析の結果、ヒトMEGSIN遺伝子は8つのエキソンと7つのイントロンを有し、約20kbにわたってコードされていることが判明した。また、エクソン-イントロン境界部位（スプライス部位）は、GT-AG則に従っていた。その構造を表1に示す。表の配列中、大文字はエキソン、小文字はイントロンを表す。

表 1

No.	エキソン (bp)	イントロン (kbp)	ドナー配列	アクセプター配列
1	346	6.0	CTAGCgtgag	tctagGCTGC
2	186	0.5	ATAAGgtcag	tacagTTGCT
3	51	0.9	GTCAAGgtaaa	aacagTCAGG
4	117	3.3	ATAAGgttaag	tatagGACTA
5	118	3.0	ACATGgtgag	aaaagGCAAA
6	143	3.0	CCAAAGgtatg	ttcagTGCTC
7	147	3.5	CTGAAgttaag	tacagATTGA
8	1141			

ヒトMEGSIN遺伝子のエキソン-イントロン境界領域の塩基配列と、MEGSINと同じSerpinスーパーファミリーに属するプラスミノーゲンアクセプターインヒビター type2 (PAI-2) [Ye, R.D., J. Biol. Chem., 264, 5495-5502 (1989)] 遺伝子のそれとの比較を図1に示す。両者の配列は高度に保存されており、系統的に近い関係にあることが判明した。

決定したヒトMEGSIN遺伝子のプロモーター領域 (-1431~-1) の塩基配列を図2および配列番号：2に、5' 非翻訳領域 (5' -UTR) (1~181) の塩基配列を図2および配列番号：3に示す。

[実施例3] 蛍光in situハイブリダイゼーション (FISH)

フィトヘマグルチニン (PHA) で刺激したヒト末梢血培養リンパ球から分裂中期群の染色体標本スライドを常法により作製した。FISH用のプローブは、F581クローン由来のDNAをニックトランスレーション法によりジゴキシゲニン-dUTPで標識したものを使用した。前記スライド標本に、標識化プローブを50%のホルムアミド、10%のデキストラン硫酸および2×SSCを含むバッファーと混合し、ハイブリダイズした。ハイブリダイズされたスライド標本をフルオレセイン標識抗ジゴキシゲニン抗体 (Boehringer Mannheim社) とともにインキュベーションし、4',6'-Diamidine-2'-phenylindole dihydrochloride (DAPI) を用いた対比染色を行うことにより特異的なハイブリダイゼーションシグナルを検出した。二色染色によるプローブの検出は、標本スライドをフルオレセイン標識抗ジゴキシゲニン抗体 (Boehringer Mannheim社) およびテキサスレッド標識アビジン (Boehringer Mannheim社) とともにインキュベートし、DAPIを用いた対比染色により行った。その結果、ヒトMEGSIN遺伝子は、染色体18q21.3に存在していた。

[実施例4] S1ヌクレアーゼプロテクションアッセイによる転写開始点の同定

MEGSIN mRNAの5'末端は、実施例1で調製したヒトメサンギウム細胞から抽出したpoly(A)⁺ RNAを用いて、S1ヌクレアーゼプロテクションアッセイ法 [Berk, A.J. et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA., 75, 1979 (1978)] により決定した。

まず、マルチプライム法により、標識DNAプローブを調製した。即ち、開始点の前後を充分にカバーするような、bp +161～+191に対応するオリゴヌクレオチドプライマー (5'-ttccctgtac atgcacttag gaaggtgatg a-3' /配列番号: 5) を変性したMEGSINプロモーターにアニールさせた。次にプライマーを[³²P]-dCTPを含有するバッファー中でクレノウ酵素とともに37°Cで15分間インキュベートした後、反応生成物をSephadex G-50カラム (Pharmacia製) を用いて精製し、アイソトープ標識プローブとして使用した。次にS1-Assay kit (Ambion社) を用い、標識プローブを55°C16時間の条件で、培養メサンギウム細胞から調製した0.2μgのmRNAと

ハイブリダイズさせた。DNA-RNAハイブリッドにS1ヌクレアーゼを含有する500 μ gのS1バッファーを加え、37°Cで30分間インキュベーションした。最終生成物を電気泳動し、オートラジオグラフィーにより分析した(図3)。

その結果、ヒトMEGSIN遺伝子の第1エキソンは346bpであることが判明した。しかしながら、他にも3つの転写開始点が存在することが明らかとなった。さらに、ヒトメサンギウム細胞の全RNAを試料とし、5'-RACEキット(宝酒造製)を用い、製品に添付の説明書に従い操作し、転写開始点を決定した(図2)。

塩基配列の解析の結果、AP-1結合部位、cMyb結合部位、およびOct-1を含む、転写制御部位となり得る保存されたプロモーター配列がMEGSIN遺伝子の上流領域に見出された。また、TATAボックス[Mol.Cell.Biol., 1, 281 (1981)]やCAATボックス[Science, 236, 1237 (1987)]のコンセンサス配列は見出されなかった。

[実施例5] MEGSIN転写制御領域の機能検定

転写制御領域の検定のため、MEGSIN遺伝子の上流領域(KpnI-DraI断片；-1154～+59)またはその欠失変異DNAとルシフェラーゼ遺伝子を連結させたベクターを作製した。さまざまな欠失変異DNAは、アッセイに用いる領域を覆うようなプライマー対を設計し、ポリメラーゼ連鎖反応(PCR)により調製した。具体的には、アンチセンスプライマーとしてプライマー13(5'-aggctgtccaaagggtgcagcctgcactctg-3'/配列番号：18)を用い、センスプライマーとしてプライマー1(5'-ggtagcttctaattccaaatagctttac-3'/配列番号：6)、プライマー2(5'-ccagttacttggataaaatgttggctgtact-3'/配列番号：7)、プライマー3(5'-ctcaggcagaaggaccaggcttgcagtcat-3'/配列番号：8)、プライマー4(5'-acatacagctcaacctcatgtatgcacggc-3'/配列番号：9)、プライマー5(5'-cctcatgtatgtacggccagaaactgaaat-3'/配列番号：10)、プライマー6(5'-ccaagttcagctcctatctgaagctgctc-3'/配列番号：11)、プライマー7(5'-ggtccagatgaaaatctgagattggagaat-3'/配列番号：12)、プライマー8(5'-atgtcttgaccaggctgacagatactgtt-3'/配列番号：13)、プライマー9(5'-cctcctgaaatctgattcacatacaaactg-3'/配列番号：14)、

プライマー10 (5'-aatgaactacataacaaccacccatgtcag-3' /配列番号：15)、プライマー11 (5'-tacataacaaccacccatgtcagatactac-3' /配列番号：16)、またはプライマー12 (5'-tactactttgaaacacctgttcaaaaacctaa-3' /配列番号：17)を用い、それぞれMEGSIN遺伝子の-1079～+59、-1040～+59、-1000～+59、-940～+59、-927～+59、-669～+59、-497～+59、-258～+59、-158～+59、-128～+59、-121～+59または-97～+59を含む欠失変異DNAを作製した。ルシフェラーゼ発現ベクター (Picca Gene Basic Vector 2 : 東洋インキ製) (図4)のマルチクローニング部位をKpnIおよびHindIIIで切断し、上記のPCR産物をライゲーションさせて、ベクターへ組み込んだ。ベクターは、LiopfectAmine (Gibco-BRL社) を用いて、添付の説明書に従い細胞へ導入した。

まず、欠失させないMEGSIN遺伝子の上流領域 (-1154～+59) を使ったベクターを種々の細胞へ導入し、転写活性の細胞種による特異性を検討した (図5)。ベクターを37°C 5時間の条件でトランスフェクションした (Derijard, B. et al., Cell, 76, 1025-1037 (1994))。37°Cで2日間培養した後、培養液を取り除き、細胞をPBSで3回洗浄し、細胞溶解 (cell lysis) バッファーで溶解させライセートを得た。細胞のライセートは遠心し細胞残渣を沈殿させて除いた。蛍光の発光量は、Lumat LB9507ルミノメーター (EG&G Berthold社) を用いて直接測定した。出力光の測定値を、波長570nmにおける吸光度により算出したそれぞれのβ-ガラクトシダーゼ活性 [Herbomel, P. et al., Cell, 39, 653-662 (1984)] で割ることにより、相対ルシフェラーゼ活性を求めた。

細胞としては、実施例1に記載の培養ヒトメサンギウム細胞 (Clontech社)、ヒト真皮線維芽細胞 (HDF : 宝酒造)、およびヒト腎皮質上皮細胞 (HRCE : 宝酒造) を使用した。その結果、ルシフェラーゼ活性は、培養ヒトメサンギウム細胞において特異的に観察された (図5)。このことから、用いた転写制御領域はメサンギウム細胞に対し特異性を有することが判明した。

次にさまざまな欠失変異DNAについても前記と同様に操作して、ベクターへ組み

込み、ヒト類表皮癌細胞株A431または実施例1の培養ヒトメサンギウム細胞(Clontech社)にトランスフェクションし、ルシフェラーゼ活性を測定した。その結果を図6に示す。グラフは、欠失させないMEGSIN遺伝子の上流領域における活性を100%とした相対値で示した。

-1154bpから-941bpまでを欠失させると、転写活性は約60%に減少したことから、この領域に転写を正に制御する配列が存在することが示された。さらに-159bpまで欠失させても、転写活性はほとんど低下しなかった。しかし、-158bpから-121bpまでを欠失させると、転写活性は全長の場合にくらべ5%に減少した。特に、-128bpから-121bpまでの間に転写活性が急激に低下することから、-128～-121の領域が転写を正に制御するのに重要なと考えられる。

また、-129～-90領域は、転写制御因子であるAP-1 (activating protein 1) 結合配列 (cttagtcaga) [Lee, W. et al., *Nature*, 325, 368-372 (1987)、Foletta, V.C. et al., *J. Leuk. Biol.*, 63, 139-152 (1998)]、c-Myb結合配列 (aacaac cacc) (配列番号: 1の13～22位) およびOct-1結合配列 (ctacataacaac) (配列番号: 1の7～19位) [Rosenfeld, M.G. et al., *Genes Dev.*, 5, 897-907 (1991)] を有することから、この領域に転写制御部位が存在する可能性が示唆された。

これらの領域がMEGSIN遺伝子の転写活性化に関与しているかどうかをさらに検証するために、これらの領域のさまざまな部位に変異を導入し、転写活性を及ぼす影響を調べた。即ち、特定塩基に変異を導入することによる転写調節ドメインのポテンシャルの変化を調べるために、Quick Change site-directed mutagenesis kit (Stratagene製) を用い、説明書に従い操作し、-128～-127をggに (m1) 、-120～-117をccccに (m2) 、-116～-115をggに (m3) 、-113～-112をggに (m4) 、-106～-105をggに (m5) 、-100～-98をggcに (m6) 、-94～-93をggに (m7) に変異させた種々の変異体を作製した。

これらの変異体の生成は、直接ダイデオキシ核酸シークエンス法により確認した。これらの変異体を前述と同様に、ベクターに組み込み、そのルシフェラーゼ

活性を求めた。その結果、図3～図7の変異体において、ルシフェラーゼ活性は著しく低下した（図7）。図中のグラフは、欠失させないMEGSIN遺伝子の上流領域における活性を100%とした相対値で示した。

〔実施例4〕 プロモーター結合タンパク質の検索

実施例3により、-128から下流（3'側）の領域が転写を正に制御する活性を有することが判明したため、この領域に結合するタンパク質（転写因子）を2種類のプローブ[プローブA（5'-GAATGAACTACATAACAAACCA-3'／配列番号：19；-129～-107領域）およびプローブB（5'-AACCAACCTTAGTCAGATACTACTTT-3'／配列番号：20；-113～-89領域）]を用いたゲルシフトアッセイにより検定した。

まず、各プローブの末端を常法によりラベル化した。次に、実施例1のメサンギウム細胞から核抽出物をDignamらの方法[Dignam, J. et al., Nucleic Acid Res., 11, 1475-1489 (1983)]により調製した。続いて、10%グリセロール、5mMの塩化マグネシウム、1mMのEDTA、25mMのジチオスレイトール、50mMの塩化カリウム、10mMのHepes-KOH、3μgのpoly (dI-dC)、7μLの核抽出物、およびラベル化プローブを含む反応液中、室温で30分間の条件でDNA-蛋白結合反応を行った。反応後、電気泳動に供し、オートラジオグラフィーで解析した。その結果、いずれのプローブにおいてもDNA-蛋白複合体のバンドシフトが認められたことから、2種類の転写因子の存在が確認できた（図8）。

MEGSINのメサンギウム細胞特異的発現がこの領域を認識する転写因子の量的影響に左右されるかどうかを検討するために、実施例1に記載の培養ヒトメサンギウム細胞（Clontech社）、ヒト平滑筋細胞（HSMC：宝酒造）、ヒト真皮線維芽細胞（HDF：宝酒造）およびヒト腎皮質上皮細胞（HRCE：宝酒造）を用いてゲルシフトアッセイを行い、比較した。DNA-蛋白錯体の量は、いずれのプローブにおいても培養ヒトメサンギウム細胞で特異的に多かった（図9）。このことは、MEGSINのメサンギウム細胞特異的発現がこの領域を認識する転写因子により影響を受けることを示している。

産業上の利用の可能性

本発明により、メサンギウム細胞に特異的に発現しているMEGSIN遺伝子のプロモーターが提供された。本発明のプロモーターは、メサンギウム細胞特異的な遺伝子発現のためのプロモーターとして利用することができ、例えば、種々の腎疾患の遺伝子治療への応用が考えられる。また、該プロモーターに結合する転写因子などのタンパク質のスクリーニングに利用することも可能である。

請求の範囲

1. 配列番号：1に記載の塩基配列またはその一部を含み、プロモーター活性を有するDNA。
2. 請求項1に記載のDNAを含むベクター。
3. 請求項1に記載のDNAの下流に異種遺伝子が発現可能な状態で結合している、請求項2に記載のベクター。
4. 請求項3に記載のベクターが導入された細胞。
5. 配列番号：1に記載の塩基配列からなるDNAまたはその一部に結合するタンパク質のスクリーニング方法であって、
 - (a) 被検試料を配列番号：1に記載の塩基配列からなるDNAまたはその一部に接触させる工程、および
 - (b) 配列番号：1に記載の塩基配列からなるDNAまたはその一部に結合する活性を有するタンパク質を選択する工程、を含む方法。
6. 請求項5に記載の方法によって単離されるタンパク質。
7. 転写因子である、請求項6に記載のタンパク質。

図 1

エキソン II		
megsin	ATTGATAAGgtcag	tacagTTGCTTCAT
PAI2	ATGGCCAAGgtgag	tgcagGTGCTTCAG
エキソン III		
megsin	AATAGTCAGgtaaa	aacagTCAGGGCTC
PAI2	ATTTCAGgtatc	tcaagGCACAAGCT
エキソン IV		
megsin	TTTCATAAGgtaaag	tatagGACTACATT
PAI2	TTCCGGGAAGgtaaag	aaaagGAATATATT
エキソン V		
megsin	ACATGgtgag	aaaagGCAAA
PAI2	CAAACCAAAAGgtaaa	ctgtaggCAGAAATCC
エキソン IV		
megsin	CCAAGgtatg	ttcagTGCTC
PAI2	GTAAACTCGgtatg	attagGCTCAGCGC
エキソン IV		
megsin	CTGAAgtaaag	tacagATTGA
PAI2	TTGGAGCTGgtaaag	tgcagCTGGAAAGT

2

・プロモーター領域 1431bp (-1431~-1)

-1431

a ctttatatcc tcagtaggta agaaatacaa aggatatggg attcaaaaata	-1381
ttcagccat gaacactgca attagaatat ggagaacagg gaatccattt gtaggctcat	-1321
ttttttta tattaacaac aaccttctcc tttagaaagt tcaccacaac tgctaaatca	-1261
aaattaaatt tcagggattt tctgcaactt tactttctc tatgattatt catctataa	-1201
acaatcatgg aggtgagcaa taactacttt attcgatttt ggataagttt acaggacccc	-1141
cttcttcctg ggaaggaggc aaaattgcac aaaattgaga ggcgagcaac tgtaagatga	-1081
tggtacccctc taattccaat agcttttac aatagagaac ccagttactt ggataaatgt	-1021
tggctgtact tttagaaaca ctcaggcaga aggaccaggc ttgcagtcattt ttccatgcat	-961
agcaggtgaa ggttagtgca acatacagct caacctcatg atgctacggc cagaaaactga	-901
aatgtgtttt tgcccctgtg tggcatgttc tgatggcaaa ggtgtaggca accaactagg	-841
cccaacctac cttccctac acctggtcac ttttcaaagt gcaaaccac ttaacaaac	-781
tctagccctgtt attataggag gaaggatctg ggtggcag acgtggctt ccattgcccag	-721
atcagaaggg tggaggagag actggcagga tgacaagaat gaatgaacac accaagttt	-661
agctcctatc tgaagctgct cagttcaggt aagcatttag agaagccagt tgcaataact	-601
aacagggcaa atgtttctct ggaaaattcc aagccagaga aaattgagaa aaagagggaa	-541
ggatggaaag cagtacaaag agaagccagc tcaaaagggtt agaggtccag ataaaaatct	-481
gagattggag aatgataaaa aacattgtgt gagattctat tttaggtcat tatgttaggg	-421
aaatttacac agatagggt tgaaaagaaat taggctataa gatgagtggc aagttgcaat	-361
aaaatggcac cctaaactca ccaagtcaact gttgtcaactg ctatctgcc tttagttgatt	-301
tgatgtctag ttagtctatt tggatgtttc tcacagaaga gtatgtctt acccaggctg	-241
acagatactg ttgattctga aatttggat tttatgtttagt taaaaccat tgcattata	-181
agaaaacagag atggaaat tgcctcctga aatctgattt acataacaaac tgaatgaact	-121
acataacaac caccttagtc agatactact ttgaaaacctg gttcaaaaacc taaatgctta	-61
taaggarrrtt gagagacagt gctgtgctct gaggcatagg gaagccatcc cagaagccag	-1

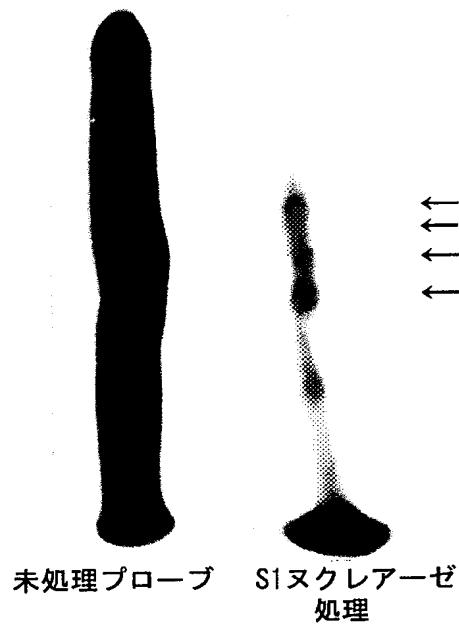
・ 5' - 非翻訳領域 (5' -UTR) 181bp (+1～+181)

gtctacttat caataaggcag ctgcctgtgc agagtgcagg ctgcacccctt ggacagccctt 60
taaaactgaa ttctcagaat tttagaacaa attttt^{*}gtct agaaatgctg actttggttc 120
attaggttagt ggtaaaacag gctcccttcg aagctctcct tcatacacctt ccttaagtgca 180
t 181

3 / 9

図 3

S1 アッセイ



4 / 9

図 4

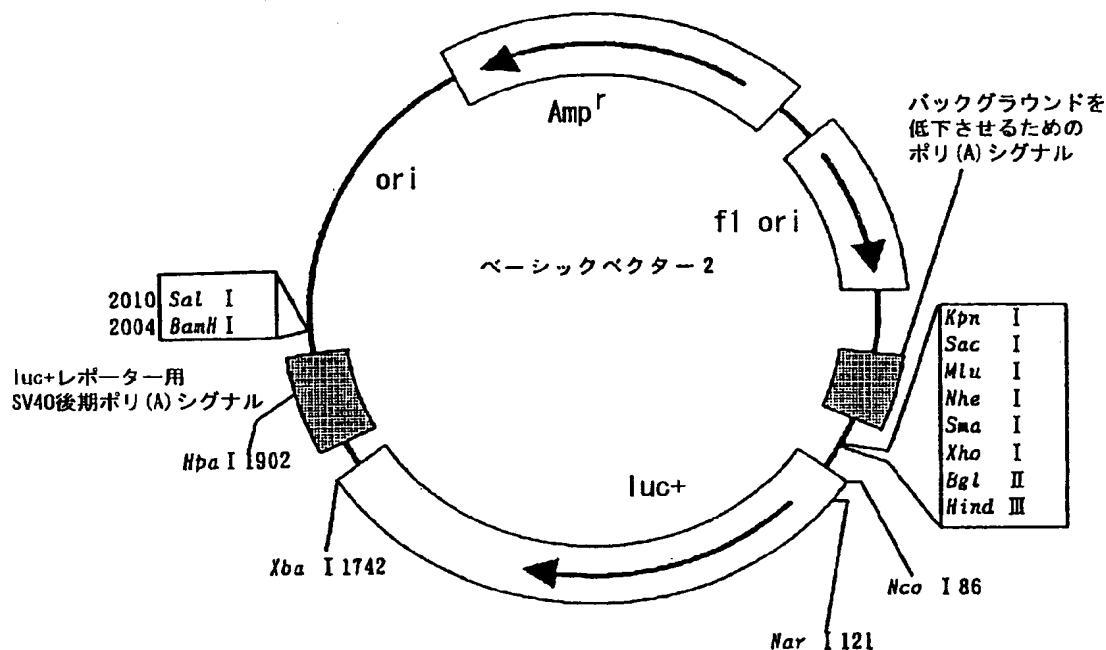


図 5

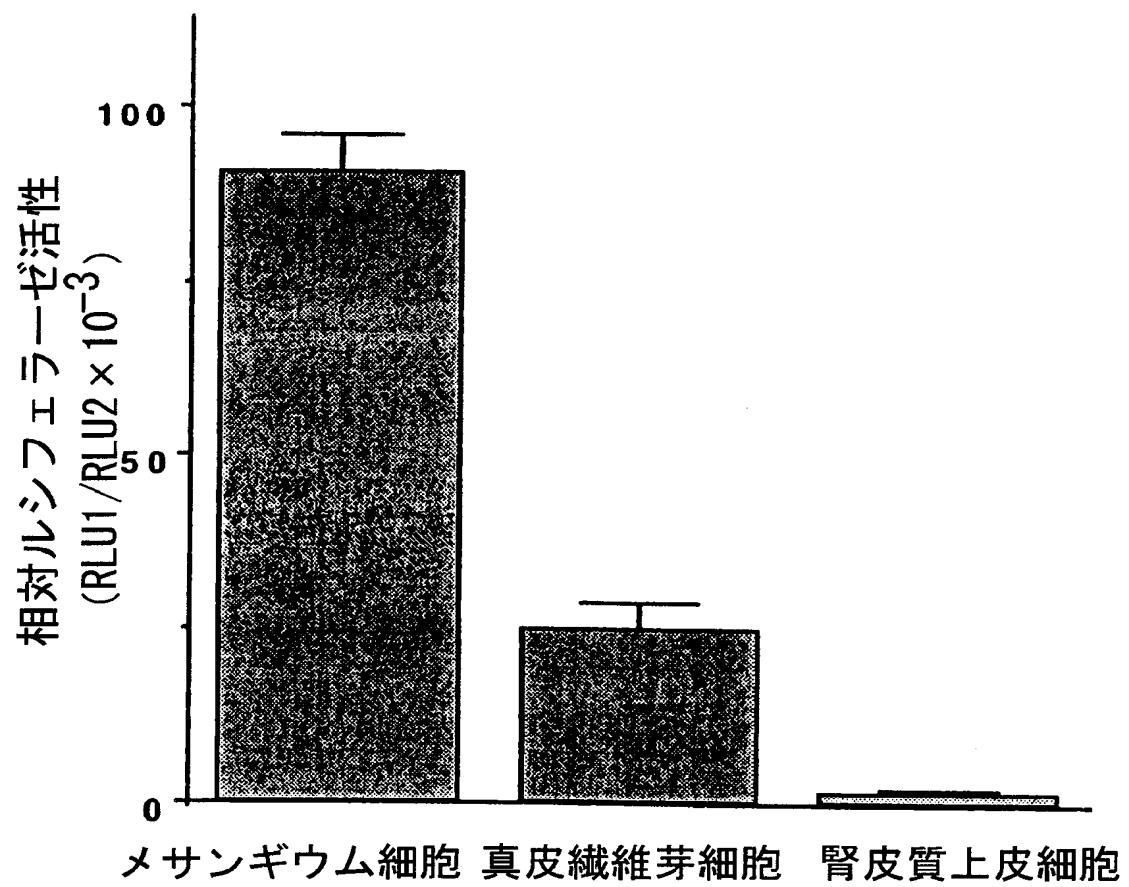
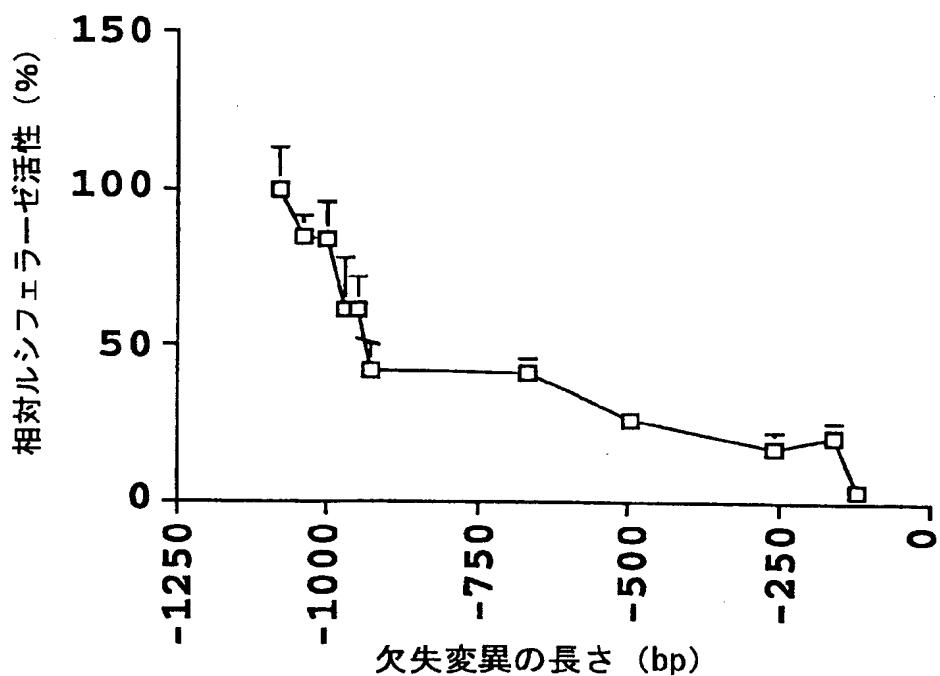
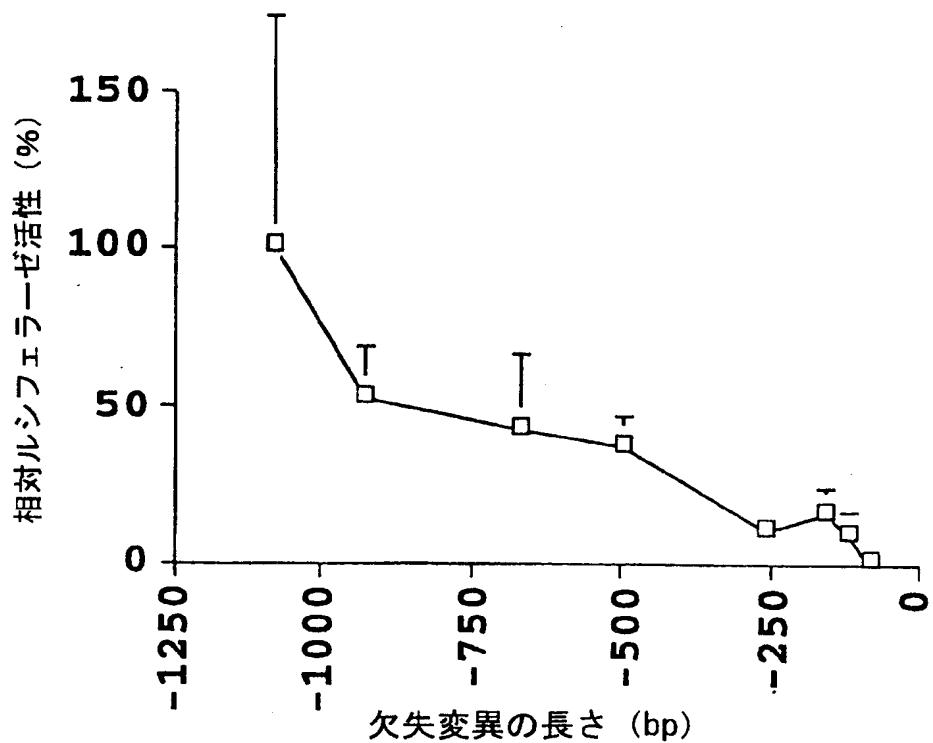


図 6

(A)

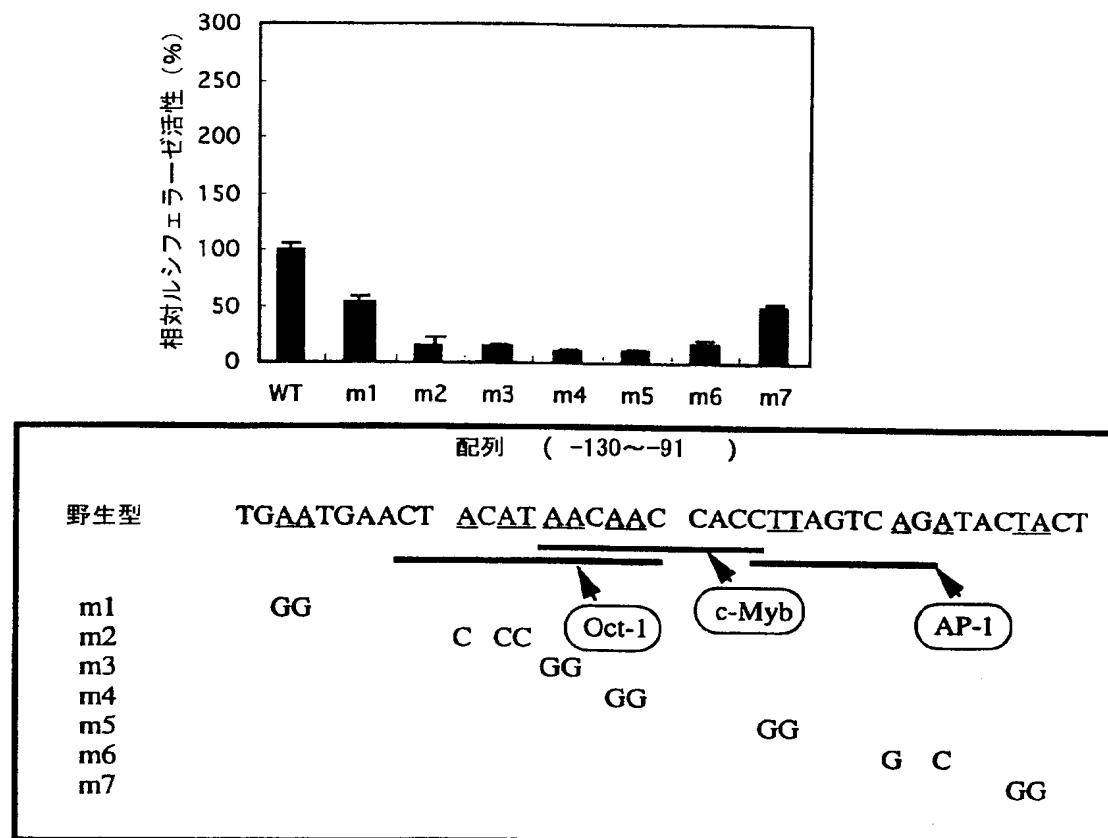


(B)



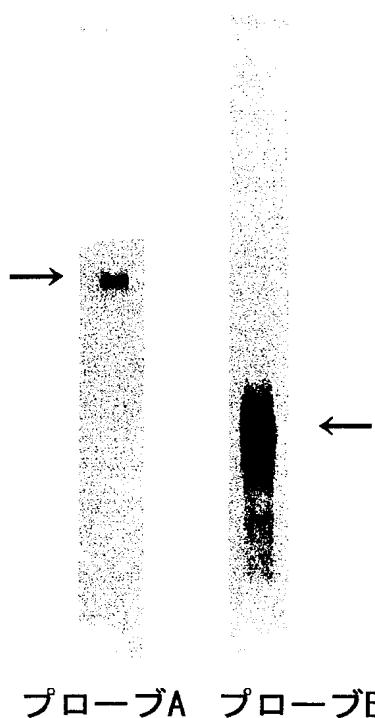
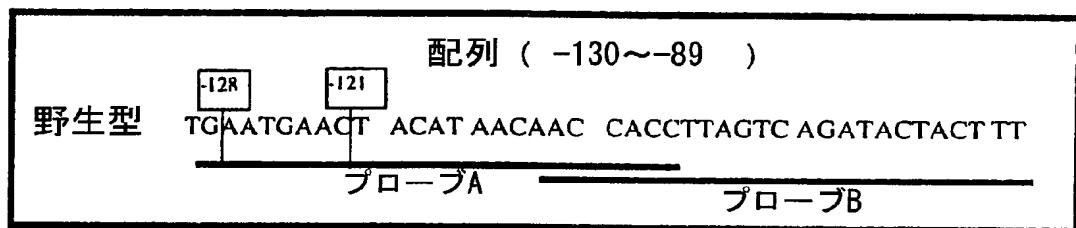
7 / 9

図 7



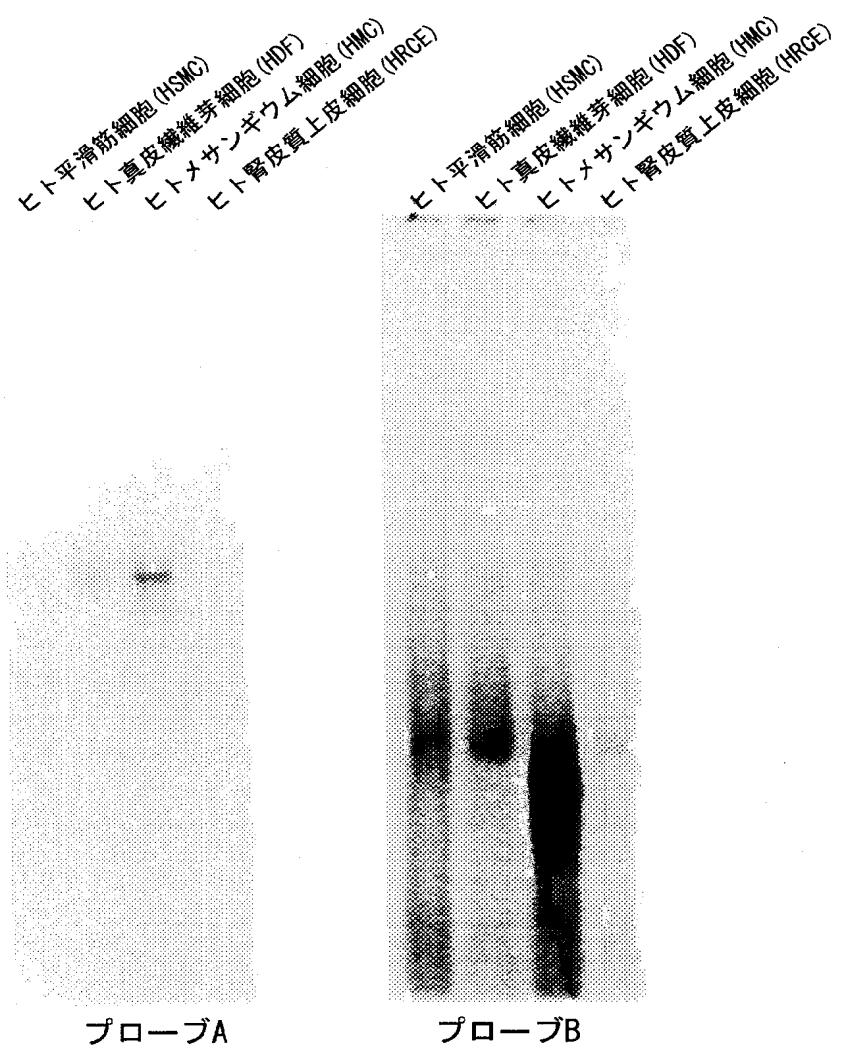
8 / 9

図 8



9 / 9

図 9



配列表

SEQUENCE LISTING

<110> MIYATA, Toshio
KUROKAWA, Kiyoshi

<120> MEGSIN Promoter

<130> F2-003PCT

<150> JP 1999-15667

<151> 1999-01-25

<160> 20

<210> 1

<211> 128

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1

aatgaactac ataacaacca ctttagtcag atactacttt gaaaccttgt tcaaaaccta 60
aatgcttata agarrcttga gagacagtgc tgtgctctga gtcataggga agccatccca 120
gaagccag 128

<210> 2

<211> 1431

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2

actttatc ctcagtaggt aagaaataca aaggatatgg gattcaaaat attcagccta 60
tgaacactgc aattagaata tggagaacag ggaatccatt tgtaggctca ttttttttt 120
atattaacaa caaccttctc cttcagaaag ttcaccacaa ctgctaaatc aaaattaaat 180
ttcagggatt ttctgcaact ttactttct ctatgattat tcatctcata aacaatcatg 240
gaggtgagca ataactactt tattcgattt tggataagtt aacaggaccc ctttcttcct 300
gggaaggagg caaaattgca caaaattgag aggcgagcaa ctgtaagatg atggtacctt 360
ctaattccaa tagttttta caatagagaa cccagttact tggataaatg ttggctgtac 420
tttgaaaac actcaggcag aaggaccagg cttgcagtca tttccatgca tagcaggtga 480
agtaggtgc aacatacagc tcaacctcat gatgctacgg ccagaaactg aaatgtgtt 540
ttgcccctgt gtggcatgtt ctgatggcaa aggtgttaggc aaccaactag gcccaaccta 600
ccttcccta cacctggta ctttcaaag tgcaaaccca cttaacaaa ctctagcctg 660
tattatagga ggaaggatct gggtggtgca gacgtggctt tccattgcca gatcagaagg 720
gtggaggaga gactggcagg atgacaagaa tgaatgaaca caccaagttt cagctctat 780
ctgaagctgc tcagttcagg taagcattt gagaagccag ttgcaataac taacagggca 840
aatgttctc tggaaaattc caagccagag aaaattgaga aaaagaggga aggatggaaa 900
gcagtacaaa gagaagccag ctc当地aaaggt tagaggtcca gatgaaaatc tgagattgga 960
gaatgataaa aaacattgtg tgagattcta ttttaggtca ttatgctagg gaaatttaca 1020
caggataggg ttgaaagaaa ttaggctata agatgagtgg caagttgcaa taaaatggca 1080
ccctaaactc accaagtac tgggtcact gctatcttgc cttagttgat ttgatgtcta 1140

gttagtctat ttgtgtttt ctcacagaag agtatgtctt gacccaggct gacagatact 1200
gttgattctg aaatttgttt ttatggttat gttaaaacca ttgtcattat aagaaacaga 1260
gatggaaata ttgcctcctg aaatctgatt cacatacaaa ctgaatgaac tacataacaa 1320
ccaccttagt cagatactac tttgaaacct gttcaaaac ctaaatgctt ataagarrct 1380
tgagagacag tgctgtgctc tgagtcatag ggaagccatc ccagaagccca g 1431

<210> 3

<211> 181

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> 5' UTR

<222> (1)..(181)

<400> 3

gtctacttat caataagcag ctgcctgtgc agagtgcagg ctgcacctt ggacagcctt 60
taaaaactgaa ttctcagaat tttagaacaa attttgtct agaaatgctg actttggttc 120
attaggtgtt ggtaaaacag gctcccttcg aagctctct tcatacacctt cctaaatgtca 180
t 181

<210> 4

<211> 28

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: an
artificially synthesized primer sequence.

<400> 4

cgtcgacgga cacgtctcac gtccgacg

28

<210> 5

<211> 31

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: an
artificially synthesized primer sequence.

<400> 5

ttccctgtac atgcacttag gaaggtgatg a

31

<210> 6

<211> 29

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: an

artificially synthesized primer sequence.

<400> 6

ggtacccctt aattccaaata gctttttac

29

<210> 7

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: an
artificially synthesized primer sequence.

<400> 7

ccagttaccc ggataaatgt tggctgtact

30

<210> 8

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: an
artificially synthesized primer sequence.

<400> 8

ctcaggcaga aggaccagc ttgcagtcat

30

<210> 9

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: an artificially synthesized primer sequence.

<400> 9

acatacagct caacacctatg atgctacggc

30

<210> 10

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: an artificially synthesized primer sequence.

<400> 10

cctcatgatg ctacggccag aaactgaaat

30

<210> 11

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: an artificially synthesized primer sequence.

<400> 11

ccaagtttca gctcctatct gaagctgctc

30

<210> 12

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: an artificially synthesized primer sequence.

<400> 12

ggtccagatg aaaatctgag attggagaat

30

<210> 13

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: an
artificially synthesized primer sequence.

<400> 13

atgtcttgac ccaggctgac agataactgtt

30

<210> 14

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: an
artificially synthesized primer sequence.

<400> 14

cctcctgaaa tctgattcac atacaaactg

30

<210> 15

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: an artificially synthesized primer sequence.

<400> 15

aatgaactac ataacaacca ccttagtcag

30

<210> 16

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: an artificially synthesized primer sequence.

<400> 16

tacataacaa ccacacctgt cagatactac

30

<210> 17

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: an artificially synthesized primer sequence.

<400> 17

tactactttg aaacacctggtt caaaaacctaa

30

<210> 18

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: an artificially synthesized primer sequence.

<400> 18

aggctgtcca aaggtgcagc ctgcactctg

30

<210> 19

<211> 23

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: an

artificially synthesized oligonucleotide sequence.

<400> 19

gaatgaacta cataacaacc acc

23

<210> 20

<211> 25

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: an

artificially synthesized oligonucleotide sequence.

<400> 20

aaccacacctta gtcagatact acttt

25

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.
PCT/JP00/00350

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER
Int.Cl⁷ C12N15/63, 5/10, C12Q1/68, C07K14/00

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)
Int.Cl⁷ C12N15/00-15/90

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used)
GenBank/EMBL/DDBJ/GeneSeq, BIOSIS (DIALOG),
WPI (DIALOG), REGISTRY (STN)

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	JP, 6-165679, A (Takeda Chemical Industries, Ltd.), 14 June, 1994 (14.06.94) (Family: none) especially, page 9, sequence No.3	1-4
A	Journal of Leukocyte Biology, Volume 63, Number 2, issued February 1998, Victoria C. Foletta et al., "Transcriptional regulation in the immune system: all roads lead to AP-1", pages 139-152	1-7
A	Genes & Development, Volume 5, Number 6, issued June 1991, Michael G. Rosenfeld, "POU-domain transcription factors: pou-er-ful developmental regulators", pages 897-907	1-7

Further documents are listed in the continuation of Box C.

See patent family annex.

* Special categories of cited documents:	
"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance	"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention
"E" earlier document but published on or after the international filing date	"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone
"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)	"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art
"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means	"&" document member of the same patent family
"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed	

Date of the actual completion of the international search 18 April, 2000 (18.04.00)	Date of mailing of the international search report 25 April, 2000 (25.04.00)
Name and mailing address of the ISA/ Japanese Patent Office	Authorized officer
Facsimile No.	Telephone No.

A. 発明の属する分野の分類 (国際特許分類 (IPC))

Int. C17 C12N15/63, 5/10, C12Q1/68, C07K14/00

B. 調査を行った分野

調査を行った最小限資料 (国際特許分類 (IPC))

Int. C17 C12N15/00-15/90

最小限資料以外の資料で調査を行った分野に含まれるもの

国際調査で使用した電子データベース (データベースの名称、調査に使用した用語)

GenBank/EMBL/DDBJ/GenSeq, BIOSIS (DIALOG),
WPI (DIALOG), REGISTRY (STN)

C. 関連すると認められる文献

引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
X	JP, 6-165679, A (武田薬品工業株式会社) 14.6月.1994 (14.06.94), (ファミリーなし) 特に、p.9, 配列番号: 3	1-4
A	Journal of Leukocyte Biology, Volume 63, Number 2, issued February 1998, Victoria C. Foletta et al., "Transcriptional regulation in the immune system: all roads lead to AP-1", pages 139-152	1-7

 C欄の続きにも文献が列挙されている。 パテントファミリーに関する別紙を参照。

* 引用文献のカテゴリー

「A」特に関連のある文献ではなく、一般的技術水準を示すもの
 「E」国際出願日前の出願または特許であるが、国際出願日以後に公表されたもの
 「L」優先権主張に疑義を提起する文献又は他の文献の発行日若しくは他の特別な理由を確立するために引用する文献 (理由を付す)
 「O」口頭による開示、使用、展示等に言及する文献
 「P」国際出願目前で、かつ優先権の主張の基礎となる出願

の日の後に公表された文献

「T」国際出願日又は優先日後に公表された文献であって出願と矛盾するものではなく、発明の原理又は理論の理解のために引用するもの
 「X」特に関連のある文献であって、当該文献のみで発明の新規性又は進歩性がないと考えられるもの
 「Y」特に関連のある文献であって、当該文献と他の1以上の文献との、当業者にとって自明である組合せによって進歩性がないと考えられるもの
 「&」同一パテントファミリー文献

国際調査を完了した日 18.04.00	国際調査報告の発送日 25.04.00
国際調査機関の名称及びあて先 日本国特許庁 (ISA/JP) 郵便番号100-8915 東京都千代田区霞が関三丁目4番3号	特許庁審査官 (権限のある職員) 内田俊生印 4N 8214 電話番号 03-3581-1101 内線 3488

C (続き) . 関連すると認められる文献		関連する 請求の範囲の番号
引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	
A	Genes & Development, Volume 5, Number 6, issued June 1991, Michael G. Rosenfeld, "POU-domain transcription factors: pou-er-ful developmental regulators", pages 897-907	1 - 7